

引用格式:

刘爽, 张廷萍, 薛治峰, 刘杨, 王婧, 钱亚新, 秦世雯. 拟石莲花属‘碧桃’腐烂病病原菌的鉴定及其主要致病物质的测定[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2024, 50(2): 65–70.

LIU S, ZHANG T P, XUE Z F, LIU Y, WANG J, QIAN Y X, QIN S W. Identification of the pathogen causing rot disease on *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ and determination of the main pathogenic substances[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2024, 50(2): 65–70.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



拟石莲花属‘碧桃’腐烂病病原菌的鉴定 及其主要致病物质的测定

刘爽¹, 张廷萍¹, 薛治峰², 刘杨¹, 王婧¹, 钱亚新¹, 秦世雯^{1*}

(1.云南大学资源植物研究院, 云南 昆明 650500; 2.西北农林科技大学植物保护学院, 陕西 杨凌 712100)

摘要: 采用组织分离法和单孢子纯化法, 从拟石莲花属多肉植物品种‘碧桃’(*Echeveria* cv. ‘Peach Pride’)疑似腐烂病的叶片组织获得病原菌, 通过形态学和分子序列特征的鉴定以及致病性测定, 明确病原菌为尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)。测定尖孢镰刀菌的主要致病物质, 发现该病原菌具有较强的细胞壁降解酶活性, 并具有一定的产毒素(镰刀菌酸)能力, 说明细胞壁降解酶类和毒素是该病原菌侵入、定殖和致病的主要因素。

关键词: 拟石莲花属多肉植物; 腐烂病; 尖孢镰刀菌; 细胞壁降解酶; 镰刀菌酸

中图分类号: Q949.751.1; S432.1

文献标志码: A

文章编号: 1007–1032(2024)02–0065–06

Identification of the pathogen causing rot disease on *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ and determination of the main pathogenic substances

LIU Shuang¹, ZHANG Tingping¹, XUE Zhifeng², LIU Yang¹, WANG Jing¹, QIAN Yaxin¹, QIN Shiwen^{1*}

(1.School of Institute of Resource Plants, Yunnan University, Kunming, Yunnan 650500, China; 2.College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, Shanxi 712100, China)

Abstract: The fungal pathogen was obtained from the leaves of *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ with suspected rot disease based on tissue separation and single spore separation. According to morphological observation, molecular identification and pathogenicity test, this pathogen was identified as *Fusarium oxysporum*(*F. oxysporum*). The main pathogenic substances of *F. oxysporum* was determined, it was found that the pathogen has strong degrading enzyme activity on cell wall and the ability to produce toxins(fusaric acid), indicating that cell wall degrading enzymes and toxins are the main factors for the pathogen’s invading, colonizing and pathogenesis.

Keywords: *Echeveria* succulent plant; rot disease; *Fusarium oxysporum*; cell wall degrading enzyme; fusaric acid

腐烂病、白粉病、锈病和炭疽病是危害多肉植物产业发展的主要病害^[1]。其中, 腐烂病引起多肉植物水层组织和维管束组织的腐烂和萎蔫, 造成叶片出现透明水渍状病斑并脱落, 茎部呈黑腐症状, 最终导致植株枯萎^[2]。已报道的多肉植物腐烂病的病原菌有导致意大利‘东云’(*Echeveria. agavoides*)

茎部腐烂病的尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)^[3]、导致北京‘蓝石莲’(*Echeveria peacockii*)茎部腐烂病的层出镰刀菌(*Fusarium proliferatum*)^[4]、导致福建漳州‘翡翠景天’(*Sedum morganianum*)叶部腐烂病的山扁豆生棒孢(*Corynespora cassicola*)^[5]、导致江苏宿迁‘青星美人’(*Pachyphytum*)叶部腐烂病的暹罗炭

收稿日期: 2023–12–26

修回日期: 2024–01–10

基金项目: 国家自然科学基金项目(32060593); 云南省基础研究计划面上项目(202101AT070021)

作者简介: 刘爽(1998—), 女, 湖北黄冈人, 硕士研究生, 主要从事植物病害生物防治研究, ls199805182021@163.com; *通信作者, 秦世雯, 博士, 副教授, 主要从事植物病原物致病机制及绿色防控研究, shiwenqin@ynu.edu.cn

疽菌(*Colletotrichum siamense*)^[6]和导致美国‘紫珍珠’(*Echeveria* cv. *Perle von Nürnberg*)根部腐烂病的群结腐霉(*Pythium myriotylum*)^[7]等。

景天科(*Crassulaceae*)拟石莲花属(*Echeveria*)多肉植物具有莲座叶形和丰富的叶色,常用于属间杂交培育新品种。2021年8月,笔者在云南昆明市晋宁区一商业多肉植物种植大棚内发现约有10%的拟石莲花属‘碧桃’(*Echeveria* cv. ‘*Peach Pride*’)出现腐烂病症状,遂采集病样,进行了病原菌的分离和鉴定及致病性的测定,并对病原菌主要致病物质进行初步检测,以期对多肉植物腐烂病病害防治提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

2021年8月,在云南省昆明市晋宁区(102°55′3.734″E, 24°52′7.088″N)一多肉植物商业种植大棚内采集20株具有较典型腐烂病症状的多肉植物‘碧桃’病叶。

供试植物病原真菌:拟石莲花属‘静夜’黑腐病菌(*Fusarium oxysporum*)KMJY6菌株、香蕉枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f.sp.*cubense*)、黄瓜枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f.sp.*cucumerinum*)、西瓜枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f.sp.*niveum*)、苦瓜枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f.sp.*momordicae*)、番茄枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*),均由云南大学农学院植物病理学研究室鉴定和保存。

1.2 方法

1.2.1 病原菌的分离和鉴定

1) 病原菌的分离纯化。采用组织分离法^[8],切取已消毒的病叶基部,置于含有100 μg/mL卡那霉素和100 μg/mL头孢霉素的马铃薯葡萄糖琼脂培养基(PDA)上,28℃培养7 d。挑取组织块周围的菌丝于PDA上培养,多次转接,待菌落形态一致后进行单孢分离并保存菌株。

2) 形态学观察。将单孢分离菌株接种于PDA,28℃培养7 d,观察菌落形态和颜色,并计算菌丝生长速率。将单孢分离菌株接种于康乃馨琼脂培养基(CLA)^[9],培养3周后用无菌水冲洗菌落,获得孢子悬浮液,于显微镜下观察孢子的种类和形态。

3) 分子序列特征鉴定。采用SP Fungal DNA kit试剂盒(Omega)提取病原菌DNA。通过PCR扩增和测序获得病原菌ITS^[10]、*EF1-α*^[11]和*pgl*基因^[12]序列信息。对所有单孢菌株的3种基因序列分别进行同源比对后,将代表性菌株的相关序列提交至GenBase数据库(<https://ngdc.cncb.ac.cn/genbase/submit/list>),在NCBI中进行相似性比对。利用MEGA软件(version 11)用最大似然法构建ITS与*EF1-α*串联拼接序列和*pgl*基因的系统发育树,步长为1 000。

1.2.2 病原菌致病性的测定

将代表性菌株在Bilal’s培养液^[13]中28℃,120 r/min振荡培养5 d,通过血球计数板配制成 1×10^6 /mL的孢子悬浮液。选取6株长势一致的健康‘碧桃’植株,在代表性菌株孢子悬浮液中采用浸根接种法处理60 min,栽种于花盆中,置于28℃、明暗各12 h的人工气候箱中,每天定时观察‘碧桃’的发病情况。共设3次重复,以Bilal’s培养液浸根处理为对照。植株发病后,从罹病植株的叶基部重新分离和纯化病原菌,进行形态学观察和分子序列鉴定。

1.2.3 病原菌主要致病物质的测定

1) 细胞壁降解酶活性的测定。采用Bradford法^[14],以牛血清蛋白为标样制作标准曲线($y=0.7591x+0.0114$, $R^2=0.9911$),测定‘碧桃’腐烂病菌代表性菌株、KMJY6菌株、香蕉枯萎病菌株、黄瓜枯萎病菌株、西瓜枯萎病菌株、苦瓜枯萎病菌株、番茄枯萎病菌株粗酶液蛋白浓度。按照文献[15]方法,分别以D-半乳糖醛酸、葡萄糖和D-木糖制作多聚半乳糖醛酸酶(PG)活性、β-1,4-葡聚糖酶(GLU)活性和β-1,4-木聚糖酶(XYL)活性的标准曲线($y=0.0042x-0.0114$, $R^2=0.9984$; $y=0.0015x-0.0118$, $R^2=0.9991$; $y=0.0009x-0.136$, $R^2=0.0182$)。采用3,5-二硝基水杨酸比色法^[16]测定3种酶的活性。

2) 镰刀菌酸(FA)的测定。采用液相色谱法测定FA产量。色谱条件根据KUANG等^[17]的方法进行改良:流动相为甲醇/0.43%磷酸(体积比68:32),有机相为甲醇,柱温为50℃,进样量为10 μL,流速为1 mL/min,检测紫外波长为271 nm。色谱柱和液相色谱仪分别为ZORBAX Eclipse Plus C₁₈柱(Agilent)和Agilent 1200高效液相色谱仪(Agilent)。将标准品

FA(Sigma-Aldrich)配制成 0.5、1.0、5.0、8.0、25.0、50.0 $\mu\text{g/mL}$ 的溶液,按浓度梯度从低到高连续进样,以 FA 标准溶液进样质量为横坐标(x),峰面积为纵坐标(y)绘制标准曲线($y=0.3519x-0.136$, $R^2=0.9994$),并计算 FA 产量^[18]。

1.3 数据分析

运用 SPSS Statistics 25.0 软件分析数据,选用 Duncan 法进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 ‘碧桃’腐烂病病原菌的鉴定结果

观察多肉植物‘碧桃’腐烂病病叶发现,‘碧桃’发病初期,从叶基部出现透明水渍状病斑,随后病斑逐渐扩大至整个叶片,后期叶片基部开始变褐,叶片从下至上逐渐脱落并萎蔫;纵切病株茎部,可见维管束组织呈红褐色;发病 4 周后,植物枯萎死亡(图 1)。



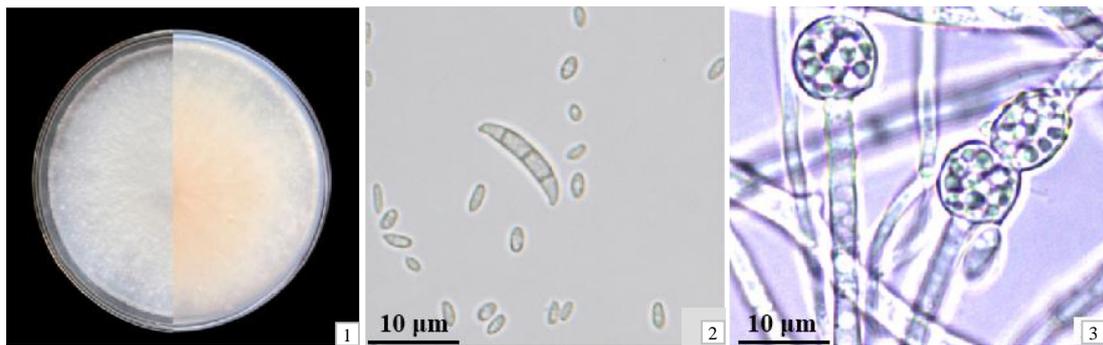
1 大棚发病的‘碧桃’植株; 2 叶片呈水渍状病斑; 3 茎部维管束组织呈红褐色腐烂。

图 1 多肉植物‘碧桃’腐烂病的症状

Fig.1 Rot symptom on *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’

通过对病叶组织分离和单孢纯化,获得 20 个菌落形态一致的真菌单孢菌株。PDA 培养基上的菌落均为白色,呈圆形,气生菌丝茂密,菌落生长速率约为(1.51 \pm 0.09) cm/d,老熟菌丝处产生淡红色色素(图 2-1)。在 CLA 培养基上观察到 3 类孢子:大型分生孢子呈略微弯曲的镰刀状,具有 3~4 个隔膜,

大小为(12.2~22.1) $\mu\text{m}\times(2.4\sim3.6)$ μm (图 2-2);小型分生孢子呈卵形,无隔,大小为(4.1~5.2) $\mu\text{m}\times(1.5\sim2.7)$ μm (图 2-2);厚垣孢子呈球形,单生或成对,大小为 9.1~12.5 μm (图 2-3)。根据这些结果,初步鉴定病原菌为镰刀菌属真菌(*Fusarium* spp.),将代表性菌株命名为 KMBT7。



1 PDA 培养基上培养 7 d 后 KMBT7 菌株的菌落形态; 2 KMBT7 菌株的小分生孢子形态和大分生孢子形态; 3 KMBT7 菌株的厚垣孢子形态。

图 2 ‘碧桃’腐烂病病原菌 KMBT7 菌株的形态

Fig.2 Morphological characteristics of the pathogen isolate KMBT7 causing rot disease of *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’

将 20 个菌株的分子特性序列进行同源比对,结果 20 个菌株的 ITS、*EFL- α* 和 *pgl* 基因的序列相似性均为 100%。将代表性菌株 KMBT7 的 ITS、*EFL- α* 和 *pgl* 序列上传至 GenBase 数据库,获得序

列号 C_AA001270.1、C_AA001268.1 和 C_AA001269.1。随后在 NCBI 中进行 Blastn 比对,发现该菌株 3 个基因序列与 *F. oxysporum* 相关序列(GenBank 序列号 LC383471.1、MK482302.1 和 KF019119.1)

相似性最高, 分别为 99.64%、98.62% 和 99.61%。ITS 与 *EF1- α* 串联拼接序列系统发育树分析表明, KMBT7 菌株与 *F. oxysporum* 菌株聚在同一分支上, 自展值达 100%, 而与其他不同种的镰刀菌属菌株亲缘关系较远(图 3-a)。 *pg1* 序列系统发育树分析表

明, KMBT7 菌株与 *F. oxysporum* f. sp. *echeveriae* DB264130 菌株聚在同一分支上, 自展值达 96%(图 3-b)。这些结果表明, KMBT7 菌株为 *F. oxysporum*, 且与尖孢镰刀菌拟石莲属专化型亲缘关系较近。

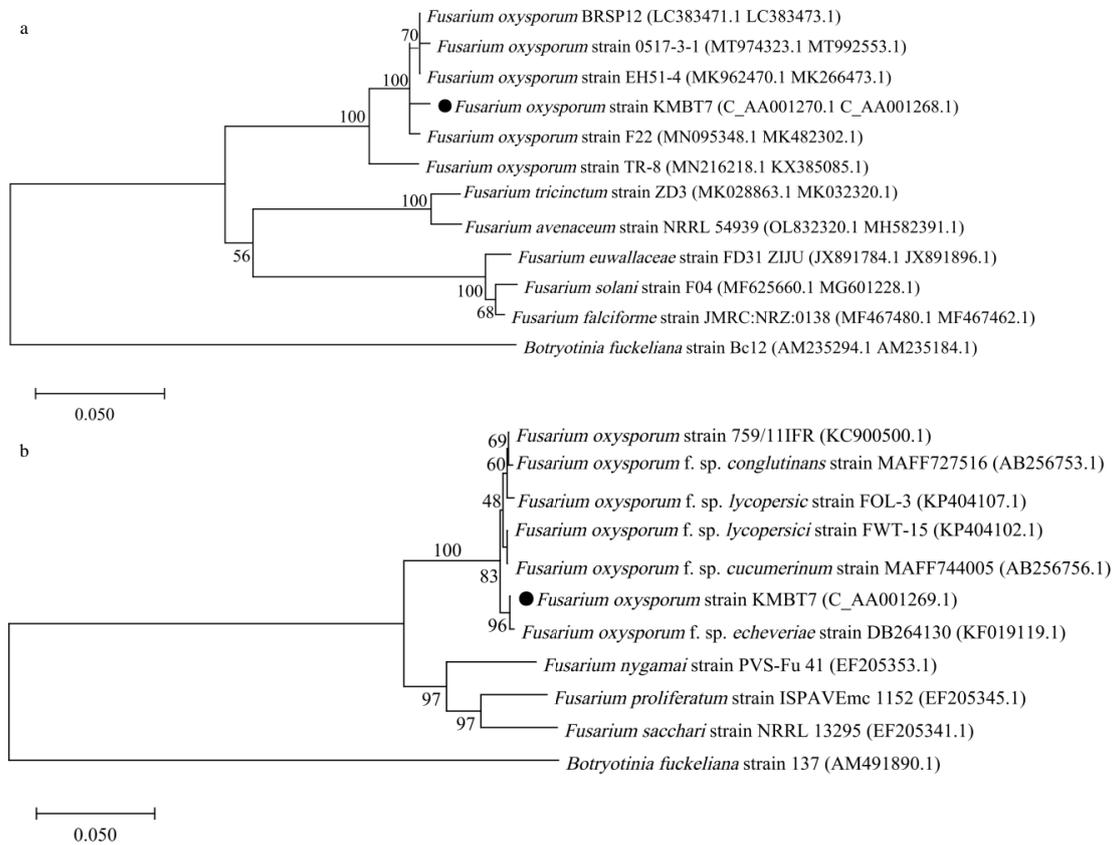


图 3 ‘碧桃’腐烂病病原菌 KMBT7 菌株的 ITS 和 *EF1- α* 串联拼接序列和 *pg1* 的系统发育树

Fig.3 Phylogenetic trees for *Fusarium oxysporum* isolate KMBT7 causing rot disease of *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ based on the concatenated ITS and *EF1- α* sequences and *pg1* genes

2.2 病原菌的致病性

将 KMBT7 菌株浸根接种于健康‘碧桃’植株 7~10 d 后, 植株下部叶片基部出现较小的水渍状病

斑; 15 d 后上部叶片出现水渍状病斑, 下部叶片开始脱落; 20 d 后大部分叶片脱落和萎蔫, 茎部出现红褐色腐烂; 30~40 d 后所有植株死亡(图 4)。接种



1 KMBT7 菌株浸根接种 20 d 后的植株发病症状; 2 健康植株叶片(CK)和 KMBT7 菌株接种 20 d 后叶片发病症状; 3 健康植株的茎部(CK)和 KMBT7 菌株接种 20 d 后茎部的发病症状。

图 4 接种 KMBT7 菌株的 ‘碧桃’腐烂病的症状

Fig.4 Rot symptom on *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ inoculated with *Fusarium oxysporum* isolate KMBT7

KMBT7 菌株的‘碧桃’植株症状与大棚发病症状一致。形态学观察和分子序列鉴定表明,重分离菌株的形态和分子序列与 KMBT7 菌株的一致,而对照植株未发病,也未分离到病原菌。说明 *F. oxysporum* 是‘碧桃’腐烂病的病原真菌。

2.3 病原菌的主要致病物质

2.3.1 细胞壁降解酶的分泌能力

在柑橘果胶、羧甲基纤维素和木聚糖的诱导

下, KMBT7 菌株分别产生 PG、GLU 和 XYL, 说明该病原菌在侵入‘碧桃’时能够降解寄主果胶、纤维素和半纤维素的骨架结构。KMBT7 菌株的 PG 活性高于‘静夜’黑腐病菌 KMJY6 菌株和香蕉枯萎病菌的活性, GLU 活性仅次于黄瓜枯萎病菌, 而 XYL 活性高于番茄枯萎病菌和‘静夜’黑腐病菌 KMJY6 菌株的活性(表 1), 说明相较于其他 *F. oxysporum* 专化型, KMBT7 菌株具有较高的纤维素酶活性, 而果胶酶和半纤维素酶的活性较低。

表 1 ‘碧桃’腐烂病菌细胞壁降解酶的活性和镰刀菌酸产量

Table 1 Cell-wall-degrading enzyme activities of the rot pathogen causing rot disease on *Echeveria* cv. ‘Peach Pride’ and the production of fusaric acid by the pathogen

菌株	PG 活性/(U mg ⁻¹ min ⁻¹)	GLU 活性/(U mg ⁻¹ min ⁻¹)	XYL 活性/(U mg ⁻¹ min ⁻¹)	FA 产量/(μg·mL ⁻¹)
腐烂病菌 KMBT7	(291.00 ± 6.56)e	(299.00 ± 5.57)b	(1 546.00 ± 11.14)e	(55.32 ± 7.10)e
黑腐病菌 KMJY6	(246.67 ± 2.08)f	(187.33 ± 4.51)f	(722.33 ± 12.01)g	(75.73 ± 5.45)de
香蕉枯萎病菌	(177.00 ± 5.57)g	(177.00 ± 2.00)g	(2 101.00 ± 10.15)b	(96.01 ± 5.91)d
黄瓜枯萎病菌	(606.33 ± 3.51)b	(321.00 ± 4.00)a	(1 853.67 ± 11.59)d	(214.62 ± 9.52)bc
西瓜枯萎病菌	(445.33 ± 9.07)c	(240.33 ± 1.15)e	(2 599.33 ± 10.60)a	(238.90 ± 7.03)ab
苦瓜枯萎病菌	(621.67 ± 6.11)a	(270.67 ± 4.04)c	(2 000.67 ± 7.51)c	(259.37 ± 28.03)a
番茄枯萎病菌	(311.67 ± 3.62)d	(256.67 ± 2.52)d	(1 228.67 ± 8.14)f	(212.42 ± 3.00)c

同列不同字母表示菌株间的差异有统计学意义($P < 0.05$)。

2.3.2 病原菌镰刀菌酸的产量

F. oxysporum KMBT7 菌株的 FA 产量为(55.32 ± 7.10) μg/mL(表 1), 相较于‘静夜’黑腐病菌和其他尖孢镰刀菌专化型, 其 FA 产量较低。说明该病原菌在‘碧桃’体内定殖后, 能够产生干扰寄主生理代谢的真菌毒素, 造成寄主组织坏死。

3 结论与讨论

对云南省昆明市晋宁区的多肉植物‘碧桃’腐烂病进行了病原菌分离和鉴定, 明确 *F. oxysporum* 是引起‘碧桃’腐烂病的病原菌, 发现该病原菌和其他拟石莲属多肉植物品种黑腐病菌以及不同尖孢镰刀菌专化型致病物质的有产量差异。

已有研究表明, 多聚半乳糖醛酸酶基因(*pgI*)可以作为 *F. oxysporum* 专化型分类的分子标记^[12,19]。构建 *pgI* 系统发育树, 发现代表性菌株 KMBT7 与意大利‘东云’拟石莲花属多肉植物黑腐病的病原菌 *F. oxysporum* f. sp. *echeveriae*(GenBank 序列号为 KF019119.1)^[3]聚在同一分支, 表明‘碧桃’腐烂病的病原菌极可能是拟石莲属专化型。‘碧桃’腐烂病菌 KMBT7 菌株具备分泌细胞壁降解酶和产镰刀菌酸的能力, 是帮助其突破寄主细胞壁防御, 造成寄主

叶片组织坏死和维管束变色的主要致病物质。

不同营养方式和寄主专化型的植物病原菌种类和活性与寄主细胞壁的成分和含量密切相关^[20]。例如, 灰霉病菌(*Botrytis cinerea*)和核盘菌(*Sclerotinia sclerotiorum*)倾向于侵染富含果胶的寄主组织(如花和果实), 故其果胶酶和半纤维素酶的种类和活性较纤维素酶高; 小麦颖枯病菌(*Phaeosphaeria nodorum*)、稻瘟病菌(*Magnaporthe oryzae*)和大麦网斑病菌(*Pyrenophora teres* f. sp. *teres*)侵染的禾本科植物细胞壁富含纤维素和半纤维素, 因此其纤维素酶和半纤维素酶种类和活性较果胶酶高^[21]。本研究发现, 相较于其他尖孢镰刀菌专化型, KMBT7 菌株的纤维素酶活性较高, 而果胶酶和半纤维素酶活性较低, 侵染拟石莲属多肉植物品种‘静夜’的 KMJY6 菌株^[22]也具有相似现象。推测这可能是与拟石莲属多肉植物细胞壁中纤维素和半纤维素含量较高而果胶含量较低有关, 具体还需进一步验证。

镰刀菌酸是多种尖孢镰刀菌专化型的主要致病毒素, 破坏寄主细胞膜, 损害线粒体活性, 螯合铜、铁或锌离子, 最终造成细胞坏死^[23]。目前研究还发现, FA 是香蕉枯萎病菌向寄主地上部蔓延, 引起典型枯萎症状的先驱致病物质^[24]。本研究发现, KMBT7 菌株和拟石莲属‘静夜’黑腐病菌

KMJY6 菌株的 FA 产量与其他尖孢镰刀菌专化型有显著差异,这可能是由于不同尖孢镰刀菌专化型的病程、寄主类型及其寄主防御机制的差异造成的。

参考文献:

- [1] 王园媛,秦晓杰,焦靖. 昆明市多肉植物常见病虫害的发生现状及防治对策[J]. 中国园艺文摘, 2016, 32(1): 157-158.
- [2] GARIBALDI A, BERTETTI D, PENSA P, et al. First report of crown and stem rot of crested molded wax agave(*Echeveria agavoides*) caused by *Fusarium oxysporum* in Italy[J]. Plant Disease, 2013, 97(2): 288-288.
- [3] ORTU G, BERTETTI D, GULLINO M L, et al. *Fusarium oxysporum* f. sp. *echeveriae*, a novel forma specialis causing crown and stem rot of *Echeveria agavoides*[J]. Phytopathologia Mediterranea, 2015, 54(1): 64-75.
- [4] LIU N, GAO W Q, QU Q, et al. First report of *Fusarium proliferatum* causing crown and stem rot of *Echeveria desmetiana* in China[J]. Plant Disease, 2020, 104(12): 3260-3260.
- [5] 姚锦爱,黄鹏,陈汉鑫,等. 多肉植物翡翠景天黑腐病病原菌[J]. 菌物学报, 2020, 39(2): 452-456.
- [6] 王芳,王晓立,韩浩章,等. 多肉植物青星美人的黑腐病病原鉴定及生物学特性[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2021, 47(5): 540-546.
- [7] SUAREZ S N, SANAHUJA G, LOPEZ P, et al. First report of *Pythium myriotylum* causing basal rot on *Echeveria* in the United States[J]. Plant Disease, 2016, 100(8): 1795.
- [8] DUAN Y H, QU W W, CHANG S X, et al. Identification of pathogenicity groups and pathogenic molecular characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *sesami* in China[J]. Phytopathology, 2020, 110(5): 1093-1104.
- [9] LIU W Y, KANG J H, JEONG H S, et al. Combined use of bulked segregant analysis and microarrays reveals SNP markers pinpointing a major QTL for resistance to *Phytophthora capsici* in pepper[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127(11): 2503-2513.
- [10] SCHOCH C L, SEIFERT K A, HUHDORF S, et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer(ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(16): 6241-6246.
- [11] MARYANI N, LOMBARD L, POERBA Y S, et al. Phylogeny and genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in the Indonesian centre of origin[J]. Studies in Mycology, 2019, 92: 155-194.
- [12] HIRANO Y, ARIE T. PCR-based differentiation of *Fusarium oxysporum* ff. sp. *lycopersici* and *radicis-lycopersici* and races of *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici*[J]. Journal of General Plant Pathology, 2006, 72(5): 273-283.
- [13] 夏善勇,牛志敏,李庆全,等. 马铃薯镰刀菌枯萎病研究进展及防控手段[J]. 黑龙江农业科学, 2022, 332(2): 89-94.
- [14] BRADFORD M M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding[J]. Analytical Biochemistry, 1976, 72: 248-254.
- [15] DOUAIHER M N, NOWAK E, DURAND R, et al. Correlative analysis of *Mycosphaerella graminicola* pathogenicity and cell wall-degrading enzymes produced in vitro: the importance of xylanase and polygalacturonase[J]. Plant Pathology, 2007, 56(1): 79-86.
- [16] REN Y Y, SUN P P, WANG X X, et al. Degradation of cell wall polysaccharides and change of related enzyme activities with fruit softening in *Annona squamosa* during storage[J]. Postharvest Biology and Technology, 2020, 166: 111203.
- [17] KUANG Y, SCHERLACH K, HERTWECK C, et al. Retraction Note: Fusaric acid detoxification: a strategy of *Gliocladium roseum* involved in its antagonism against *Fusarium verticillioides*[J]. Mycotoxin Research, 2023, 39(3): 317.
- [18] 王瑞瑞,王敏,曾吉兴,等. 镰刀菌酸在尖孢镰刀菌侵染过程中的产生规律及运输过程探究[J]. 植物病理学报, 2022, 52(3): 465-475.
- [19] MURUGAN L, KRISHNAN N, VENKATARAVA-NAPPA V, et al. Molecular characterization and race identification of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* infecting tomato in India[J]. 3 Biotech, 2020, 10(11): 486.
- [20] MARTIN F, CULLEN D, HIBBETT D, et al. Sequencing the fungal tree of life[J]. The New Phytologist, 2011, 190(4): 818-821.
- [21] AMSELEM J, CUOMO C A, VAN KAN J A L, et al. Genomic analysis of the necrotrophic fungal pathogens *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*[J]. PLoS Genetics, 2011, 7(8): e1002230.
- [22] 薛治峰,张树竹,孔德婷,等. 多肉植物“静夜”黑腐病的病原菌鉴定[J]. 植物病理学报, 2023, 53(5): 981-985.
- [23] MUNKVOLD G P. *Fusarium* species and their associated mycotoxins[J]. Methods Molecular Biology, 2017, 1542: 51-106.
- [24] LIU S W, LI J, ZHANG Y, LIU N, et al. Fusaric acid instigates the invasion of banana by *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4[J]. New Phytologist, 2020, 225(2): 913-929.

责任编辑: 罗慧敏

英文编辑: 罗维